

# **Caracterización molecular de aislamientos de *Brucella canis* en la provincia de Buenos Aires**

**ANA PAOLA MICELI, CECILIA LAURA DI LORENZO, ANA BELÉN SCUFFI Y LUCÍA ARGENIO**

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

[cdilorenzo57@gmail.com](mailto:cdilorenzo57@gmail.com)

Las cepas de *Brucella canis* (*B. canis*) son clasificadas dentro de dos grupos, Grupo 1 y Grupo 2, de acuerdo a la presencia o ausencia de una delección de 794 pb en el gen del polisacárido desacetilasa, respectivamente (KOYLASS *et al.*, 2010). El objetivo del trabajo fue determinar el genotipo de los aislamientos de *Brucella canis* predominante en la provincia de Buenos Aires, a partir de 39 aislamientos de *B. canis* provenientes de infecciones naturales, los que fueron analizados por tres reacciones en cadena de la polimerasa (PCR) simple, empleando 3 pares de cebadores, de los 8 descritos por GARCÍA YOLDI *et al.* (2006). El primer par de cebadores utilizado fue el específico de género BMEI10987f y BMEI10987r, que amplificó un fragmento de 152 pb en todas las especies de *Brucella* excepto *B. neotomae*. El segundo par consistió en los cebadores BR00953f y BR0953r, que amplificaron un fragmento de 272 pb en *B. canis*, *B. suis* y *B. neotomae*. El último par fue el BMEI1436f y el BMEI1435r específicos de especie, que amplifican un fragmento de 794 pb en *B. suis*, pero no en *B. canis* ATCC 23365. Todos los aislamientos amplificaron los fragmentos de 152, 272 y 794 pb indicando que pertenecen al Grupo 2. Este estudio presenta evidencia sólida para

clasificar las cepas de *Brucella canis* aisladas en Buenos Aires (Argentina) en el Grupo 2. Este estudio molecular de *B. canis* en Argentina puede ser el inicio de la caracterización de la dinámica epidemiológica y clínica de la infección en el país.

**Palabras clave:** *B. canis*, genotipos, Argentina.